



TITLE:

計画:12-1 リポソームRNA遺伝子の変異に基づく霊長類の系統分類(Ⅱ 共同利用研究 2.研究成果)

AUTHOR(S):

鈴木, 仁

CITATION:

鈴木, 仁. 計画:12-1 リポソームRNA遺伝子の変異に基づく霊長類の系統分類(Ⅱ 共同利用研究 2.研究成果). 霊長類研究所年報 1993, 23: 73-73

ISSUE DATE:

1993-09-01

URL:

<http://hdl.handle.net/2433/164457>

RIGHT:

計画：12-1

リボソーム RNA 遺伝子の変異に基づく霊長類の系統分類

鈴木 仁 (東京慈恵医大・医科研)

我々は簡便法であるリボソーム DNA (rDNA) のスパーサー上の制限酵素断片長の多型性 (RFLP) を指標とし、霊長類の系統分類を幅広く行うことを目指しているが、今回はまずこの手法が妥当なものであるかどうかを確認するために、すでに系統関係が比較的明らかになっているヒト上科の霊長類に適用し、その妥当性を確認した。さらにこれまで系統関係のあまりははっきりしなかったテナガザル3種についても解析し、それらの系統関係を明らかにした。

rDNA のスパーサー上の RFLP の分類学への応用にあたり有利な点としては、1) 進化速度が早く、近縁種間を比較可能、2) ゲノム内でのコピー数が多いので、一個体から得られる情報量が多い、3) 同一交配集団内で協調進化をしているので、同一集団内での変異は少ない、したがって調べる個体数は少なくともよい、4) ミトコンドリア DNA の場合とは異なり、核ゲノムの変異を反映している、5) 簡便な方法なので多くの種を短時間でサーベイ可能である、などが挙げられる。

12種の制限酵素を用い、サザンブロット解析を行い、制限酵素地図を作成した。それをもとに塩基置換度を推定した。ヒトに対するチンパンジー、ゴリラ、オランウータン、シロテナガザル、アジルテナガザル、ニホンザルの塩基置換度はそれぞれ2.7%、3.8%、7.3%、6.8%、7.8%、14.1%であった。これらの結果は他の分子系統樹とおおよそ一致するものであるが、オランウータンの進化速度が他の種よりも速い傾向が認められた。これがオランウータンの rDNA の染色体座位数が他の種よりも2-3倍多いことによるのか否かは今後の課題である。また、ピグミーチンパンジーとチンパンジーそして上記2種のテナガザル間の塩基置換度は両者とも0.3%であった。一方、フクロテナガザルと他2種のテナガザル間では2.4%であり、この分岐がヒト、チンパンジーの分岐と同時代に起きたものであることを示唆した。

計画：12-2

ミトコンドリア DNA 変異に基づくマカカ属サル

針原伸二 (東京大・理)

本田克也 (信州大・医)

竹中 修 (京都大・霊長研)

本研究はマカカ属サルのミトコンドリア DNA (mt DNA) の制限酵素切断パターンを比較・解析することにより、種間の系統関係およびそれぞれの種の種内変異性を求め、マカカ属サルにおける種分化のメカニズムや進化や過去における移動の実態の考察をめざすものである。

まず、対象をひとつの島の中で他に例をみない特異的な種分化をとげたスラウェシマカク7種のサルにしぼり、種内および種間における mt DNA の変異を実験的に検出した。

試料は、ペットとして飼育されていた、スラウェシマカク70頭 (*M. tonkeana* 13頭, *M. hecki* 8頭, *M. nigrescens* 7頭, *M. nigra* 10頭, *M. ochreata* 12頭, *M. brunnescens* 8頭, *M. maurus* 12頭の) と、スラウェシマカクと系統的に近い関係にあるとされる、カリマンタン産の *M. nemestrina* 3頭より抽出した DNA である。10種の制限酵素 (*Bam*HI, *Bgl*II, *Eco*RI, *Eco*RV, *Hind*III, *Hpa*I, *Pst*I, *Pvu*II, *Sac*I, *Xba*I) にて切断し、ヒトの mt DNA をプローブとする Southern ハイブリダイゼーション法により各個体の mt DNA のパターンを検出した。

10種すべての制限酵素の切断により mt DNA の種内あるいは種間変異が認められ、それぞれの切断により3個から12個の切断型 (モルフ) が観察された。それぞれの制限酵素によるモルフの記載をまとめたところ、スラウェシマカクの mt DNA は、45個のタイプに分類されたが、*M. hecki* と *M. nigrescens* で共通する mt DNA タイプが1つ認められたほかは、種間で共通するタイプはなかった。また、*M. nemestrina* は3頭それぞれが異なる mt DNA タイプを有していた。mt DNA タイプ相互間の関係を最大節約法により推定したところ、*M. hecki* の1つの mt DNA タイプを中心に放射状に分岐していく図が得られ、*M. nemestrina* のタイプも、その *M. hecki* の mt DNA タイプに結びつけられた。また、関係図は概してスラウェシマカク7種の地理的分布と対応